

Die Erfindung bezieht sich auf die Chemotherapie von
15 Tumorerkrankungen.

Normale Körperzellen unterliegen einem strikt geordneten System, das das Wachstum, die Zellteilung und das Absterben bestimmter Zellen kontrolliert. So teilen sich Körperzellen einer erwachsenen Person nur dann, wenn sie

20 tote Zellen ersetzen oder eine Verletzung verheilen müssen. Krebszellen dagegen wachsen unkontrolliert weiter, sie akkumulieren und bilden einen Tumor. Erreicht der Tumor eine kritische Größe, können Krebszellen über die Blutbahnen oder das Lymphsystem

25 auch in andere Bereiche des Körpers transportiert werden und dort Kolonien bilden (Metastasen). Nicht alle Tumore sind kanzerogen, denn benigne Tumore metastasieren nicht und sind daher meistens nicht lebensgefährlich, da sie

chirurgisch entfernt werden können. Detailliertere Informationen zu diesem Thema sowie den weiter unten diskutierten Aspekten der Tumorentstehung geben folgende Publikationen: Rauscher und Vogt, 1997; Kastan, 1997; 5 Hesketh, 1995; Puzstai, Lewis und Yap, 1995.

Die Transformation einer gesunden Zelle in eine Krebszelle kann durch eine ganze Reihe von Faktoren, wie Umwelteinflüsse, Strahlung, Viren oder chemische Reagenzien ausgelöst werden. Bei der Tumorentwicklung 10 spielen jedoch auch epigenetische (Methylierungen, Acetylierungen und veränderte Chromatinstruktur) und genetische Modifikationen (Punktmutation, Deletion, Amplifikation, Translokation) eine bedeutende Rolle.

Mutationen in kodierenden Bereichen von Genen, die an 15 der Regulation der Zell-Proliferation beteiligt sind, können an der Überführung einer normalen Zelle in eine Tumorzelle beitragen, da die transformierte Zelle Wachstumsvorteile gegenüber ihrer gesunden Nachbarzelle hat.

20 Krebs entsteht also durch eine Ansammlung von vererbten oder erworbenen Mutationen in kritischen Protoonkogenen oder Tumorsuppressorgenen.

Die Zellproliferation steht unter der Kontrolle verschiedener Gensysteme, während Produkte von Onkogenen 25 an der Signalvermittlung von Zelloberfläche zum Zellkern beteiligt sind, geleiten cyclinabhängige Proteinkinase und ihre Inhibitoren die Zelle durch den Zellzyklus. Nicht selten werden Störungen in der Synthese dieser Proteine bei Tumorzellen gefunden. Eine zentrale Rolle 30 spielt dabei das p53-Protein.

Proteine vom Typ des RB-Proteins regulieren die Verfügbarkeit entscheidender Transkriptionsfaktoren.

Die in Tumorgeweben hochregulierten Gene stellen meist den Ausgangspunkt für weitere detaillierte Analysen dar und da Proteine verschiedenster Funktionen hochexprimiert werden, ist der Ansatz für therapeutische Interventionen sehr vielseitig. Es ist daher das Ziel der Krebsforschung weitere neue Zielmoleküle (sog. „Targets“) für therapeutische Interventionen zu finden, die dann für eine gezielte Therapie mit geringen Nebenwirkungen benutzt werden können.

In erster Linie gilt es daher molekulare Veränderungen zwischen Normalgewebe und Tumor auf dem Niveau der Genexpression („Transkriptionslevel“) aufzudecken, die einerseits neue Targets identifizieren sollen und andererseits für die Entwicklung bzw. das Auffinden von Substanzen zur Hemmung von Fehlfunktionen herangezogen werden können.

Eine ganze Reihe verschiedenster Methoden zur Identifizierung und Charakterisierung von neuen Targets, die den Ausgangspunkt für die Entwicklung von neuen Therapeutika darstellen, basieren auf der Erstellung differenzieller mRNA Transkriptionsprofile zwischen Tumoren und Normalgeweben. Dazu zählen die differenzielle Hybridisierung, die Erstellung von Subtraktions-cDNA-Banken ("representational difference analysis"; Hubank und Schatz, 1994; Diatchenko et al., 1996) und der Einsatz der DNA-Chip Technologie oder der SAGE-Methode (Velculescu et al., 1995).

- Neben immuntherapeutischen Ansätzen kommt der gezielten Chemotherapie eine wesentliche Rolle bei der Behandlung von Krebs zu. Unter Chemotherapie versteht man die Verabreichung von Substanzen, die durch Eingriff in
- 5 Stoffwechsel, Signaltransduktion und Zellteilungsvorgänge maligner Zellen entweder zytostatisch oder zytotoxisch-zytolytisch wirken. Chemotherapeutika lassen sich auf Grund der Beeinflussung von spezifischen Targets in der
- 10 Tumorzelle, nach Art der zellulären Interaktion und der Wechselwirkung mit einer bestimmten Zellzyklusphase, in verschiedene Kategorien unterteilen.
- Die Art der Krebsbehandlung hängt vom Tumorstadium ab, entscheidend ist dabei, ob bereits Metastasen vorhanden
- 15 sind und wie weit diese im Körper verbreitet sind. Die Applikation von Zellgiften zur Krebsbehandlung ist, neben operativen Maßnahmen und der Strahlentherapie, ein integraler Bestandteil der heutigen Therapiekonzepte in der Onkologie.
- 20 Im wesentlichen gibt es zwei Hauptziele der Chemotherapie: In erster Linie ist es die Heilung von Krebs; das bedeutet, dass der Tumor verschwindet und nicht mehr auftritt. Ist eine Heilung aus verschiedensten Gründen nicht mehr möglich, versucht man
- 25 den Tumor in seinem Wachstum und seiner Ausbreitung einzuschränken bzw. zu kontrollieren.
- Prinzipiell entfalten Substanzen, die bei der Chemotherapie Anwendung finden, ihre Wirkung bei allen sich teilenden Zellen. Tumorzellen zeigen jedoch eine
- 30 höhere Empfindlichkeit gegenüber Chemotherapeutika als

gesunde Zellen, da hauptsächlich stark proliferierende Zellen angegriffen werden.

Jedes Gewebe hat ein charakteristisches Wachstumsverhalten, das Zellteilung, Wachstumsstillstand,

- 5 Differenzierung und Alterung umfasst und durch interne und externe Faktoren beeinflusst und reguliert wird.

Viele der heute eingesetzten zytotoxischen Chemotherapeutika wirken nur bei proliferierenden Zellen (nicht in der G0-Phase der Zellteilung). Dabei werden
10 allerdings sowohl Normal- als auch Krebszellen attackiert. Die Zerstörung von normalen Zellen kann zu starken Nebeneffekten führen; z.B. Zerstörung der Blutzellen-produzierenden Gewebe des Knochenmarks (Myelosuppression).

- 15 Chemotherapeutika werden je nachdem, wie sie spezifische Substanzen innerhalb der Tumorzelle beeinflussen, mit welchen zellulären Prozessen die Medikamente interagieren und welche Zellzyklusphase sie beeinflussen, in verschiedene Kategorien unterteilt.
20 Diese Informationen sind für Onkologen notwendig für die Entscheidung welche Präparate bei der Therapie miteinander kombiniert werden können.

- Die in Tumorgeweben hochregulierten Gene stellen somit potentielle neue Zielstrukturen dar und da Proteine
25 verschiedenster Funktionen hochexprimiert werden, ist der Ansatz für therapeutische Interventionen sehr vielseitig.

Es ist daher das Ziel der Krebsforschung, weitere neue Targets für therapeutische Interventionen zu finden, die

dann für eine gezielte Therapie mit - verglichen mit
derzeitig eingesetzten Therapeutika - geringeren
Nebenwirkungen benutzt werden können.

- In Tumorgeweben hochregulierte Gene stellen
5 Angriffspunkte und somit potentielle Zielstrukturen
(„Targets“) für die Chemotherapie dar.

- Aufgabe der vorliegenden Erfindung war es, ein neues,
bevorzugt von Tumorzellen exprimiertes Protein
bereitzustellen, das ein Zielmolekül für die
10 Intervention mittels chemotherapeutischer Methoden
darstellt.

- Diese Aufgabe wurde gelöst, indem zunächst mittels RDA
(„representational difference analysis“) zwischen einer
Lungen-Adenokarzinom-Zelllinie (A549) und
15 Normallungengewebe eine cDNA-Substraktionsbibliothek
hergestellt wurde. Zur Selektion der im Tumor
überexprimierten Antigene wurden anschließend die
erhaltenen cDNA-Klone sequenziert und mit in Datenbanken
verfügbaren Sequenzen verglichen. Unter den dabei
20 annotierten Genen befanden sich 321 unbekannte, zu denen
größtenteils ESTs ("expressed sequence tags") -Einträge
in der Datenbank existierten. Nach einer weiteren
qualitativen PCR-Analyse in cDNA-Bibliotheken von
kritischen Normalgeweben und immunprivilegierten Geweben
25 sowie detaillierteren Datenbankrecherchen wurde die
Anzahl der Kandidatenklone auf 59 eingeschränkt, deren
ESTs nicht aus kritischen Normalgeweben stammen.

- Diese Klone wurden auf Incyte DNA Chips gespottet und
mit einer ganzen Reihe von Tumorgeweben und
30 Normalgeweben als Referenz hybridisiert. Das mRNA

Expressionsprofil von EST Fragmenten, die in Krebsgeweben und Normalgeweben differentiell exprimiert werden und zu einem noch unbekannten Gen gehören, wurde mit unterschiedlichen Methoden verifiziert.

- 5 Die Länge der Transkripte wurde mittels Northern blot Analyse bestimmt und das Expressionsmuster in verschiedenen Zellsystemen durch quantitative PCR exakt charakterisiert. Nur unbekannte Gene bzw. ESTs mit tumorspezifischen Expressionsprofil wurden
- 10 weiterverfolgt und einer "full length Klonierung" unterworfen. Potentielle ORFs ("open reading frames") werden in die entsprechende Aminosäuresequenz umgewandelt und zur möglichen Funktionsvorhersage mittels in silico Strategien analysiert.
- 15 Die humane B345-cDNA wurde kloniert, die in einem ersten Klonierungsansatz erhaltene Sequenz ist in SEQ ID NO:1 dargestellt. Die Sequenzanalyse der in diesem Ansatz klonierten humanen B345-cDNA zeigte einen durchgehenden offenen Leserahmen von Position 215 bis Position 2461
- 20 (exklusive Stopcodon), der, auf Nukleotid- und Proteinebene, in den bekannten Sequenzen der Datenbanken keine Homologie oder Identität aufweist. Aus den aus Northern Blot Experimenten gewonnenen Daten ist zu schließen, dass das B345-Transkript eine Länge von ca.
- 25 6,5 kb hat. In einem ersten Ansatz wurde als klonierter Bereich eine B345-cDNA mit 5897 bp (exklusive polyA-Region), erhalten, wobei das Vorhandensein eines Polyadenylationssignals und des PolyA-Tails am 3'-Ende der Sequenz auf die Vollständigkeit der cDNA in diesem
- 30 Bereich hindeutete. Aufgrund der Tatsache, dass im 5'-Bereich der klonierten cDNA von Position 1 bis 214

kein durchgehender Leserahmen aufschien, wurde zunächst angenommen, dass es sich bei dem ATG an Position 215, die auch zu 75% einer Kozak Translationinitiationsstelle (ACCATGT) (Kozak, 1987) entspricht, um das Startkodon von B345 handelt.

In einem weiteren Klonierungsansatz wurden mittels einer molekularbiologischen Standardmethode, und zwar mittels sog. „Promotor Finder DNA Walking“, zusätzliche Informationen über die weiter stromaufwärts liegende Sequenz von B345 gewonnen.

Somit wurde die in dem ersten Klonierungsversuch erhaltene B345-Sequenz (SEQ ID NO:1) in der 5`Region erweitert. Der Transkriptionsstart konnte unter Anwendung der Primer Extension Analyse genau lokalisiert werden und liegt bei Position 201 (SEQ ID NO:3). Durch wiederholte Sequenzierungen auch in der 3`Region wurde, im Vergleich zur in SEQ ID NO:1 dargestellten Sequenz, eine zusätzliche Base an Position 2430 gefunden, die zu einer Leserasterverschiebung führt und somit das Stoppcodon von Position 2729 auf 2791 verschiebt. Die erhaltene cDNA (SEQ ID NO:3) besitzt einen offenen Leserahmen, der für ein potentiell Protein mit einer Länge von 836 Aminosäuren (SEQ ID NO:4) kodiert. Die Translationsinitiationsstelle an Position 283 entspricht etwa zu 70% einer Kozak-Konsensussequenz.

Die Promotorregion 200bp upstream der mutmaßlichen Transkriptionsstartstelle enthält weder eine TATA noch eine CCAAT box, jedoch eine eindeutige GC-box, welche eine Bindungsstelle des SP1 Proteins darstellt. Die

Tatsache , dass der GC Gehalt in der 5`Region über 60% ist, deutet auf ein CpG Island hin (Bird, 1986).

Die resultierende primäre Aminosäuresequenz von B345 ist in SEQ ID NO:4 gezeigt. Die Analyse des Hydrophilizitäts
 5 Plots der Aminosäuresequenz zeigt, dass das B345 Protein zwei charakteristische hydrophobe Domänen aufweist, die ein Signalpeptid und eine helikale Transmembrandomäne darstellen (Fig. 6). Diese polarisierte Struktur deutet darauf hin, dass es sich bei B345 um ein integrales
 10 Membranprotein handelt.

Die extrazelluläre Domäne läßt auf die Existenz von definitiv einer, gegebenenfalls drei, CUB Domänen schließen. CUB Domänen kommen bei verschiedenen, meist während der Embryonalentwicklung regulierten Proteinen
 15 vor. Eine kürzlich erschienene Publikation (Gerstein et al., 2000) demonstriert, daß CUB Domänen enthaltende Proteine die am ausgeprägtesten differenziell regulierten Proteine in *C. elegans* sind. Da Gene, die eine Schlüsselrolle in der Embryonalentwicklung haben, entsprechende Funktionen, z.B. in der Zellteilung, der
 20 Zellproliferation oder Signalübertragung, in Krebs ausführen, kann angenommen werden, dass eine Überexpression von B345 in Zellen eine Veränderung in den Eigenschaften der Substratadhäsion oder der
 25 extrazellulären Matrix bewirkt. Das B345 Protein weist 12 potentielle N-Glycosylierungsstellen auf, die in der mutmaßlichen extrazellulären Domäne zu finden sind.

Aufgrund seiner Aminosäuresequenz ist anzunehmen, dass das B345-Protein eine β -Sheet Sekundärstruktur

ausbildet, da sich CUB Domänen bekanntlich als β -Sandwich falten.

Die intrazelluläre Domäne (Bereich 691-836) weist keine signifikanten Homologien auf. Der gesamte C-Terminus
5 zeigt jedoch eine Identität (82%) über 124 Aminosäuren mit einem EST (Acc No. AW063026) aus humanen Eierstockkrebs Zellen.

Ausgehend von den Funktionen anderer CUB Domänen enthaltender Proteine kann gefolgert werden, daß das
10 B345 Transmembranprotein in der Kommunikation, der Interaktion und/oder der Signaltransduktion mit extrazellulären Komponenten oder Liganden eine Rolle spielt. Ferner sind die Daten der Expressionsanalyse ein starkes Indiz dafür, dass B345 beim metastatischen
15 Prozess von Krebs, insbesondere Dickdarmkrebs, beteiligt ist.

Für die Aufklärung der physiologischen Funktion und der Rolle von B345 bei der Metastasierung sind folgende Untersuchungsmethoden geeignet:

20 Zunächst werden Zelllinien, vorzugsweise humane Zelllinien identifiziert, z.B. mittels TaqMan PCR, die B345 nicht endogen exprimieren. Die Zellen werden mit einem Plasmid, das die B345-Sequenz enthält, transfiziert und B345 exprimiert. Änderungen in der
25 Morphologie und/oder dem Migrationsverhalten, das z.B. mittels Softagar Assay (Hamburger und Salmon, 1977) oder Migrationsassay (Liaw et al; 1995) der B345 exprimierenden Zellen gegenüber den nicht-transfizierten Zellen deuten auf eine Rolle von B345 in dem dafür
30 verantwortlichen biologischen Prozess hin. Dies ist ein

deutlicher Hinweis auf eine Beteiligung von B345 an der Interaktion von Tumorzellen untereinander und/oder mit der extrazellulären Matrix und somit auf eine Funktion bei der Metastasierung.

- 5 Alternativ bzw. zusätzlich zu dieser Funktionsanalyse wird in einem komplementären Ansatz die Expression von B345 in Zellen, die dieses Protein endogen exprimieren, unterdrückt, um ebenfalls die etwaige Änderungen in Morphologie und/oder Migrationsverhalten festzustellen.
- 10 Außerdem wird gegebenenfalls untersucht, ob Proteinkomponenten existieren, die mit B345 inter- oder extrazellulär interagieren (z.B. mittels Yeast Two Hybrid System (Fields und Song, 1989).

- 15 Die Erfindung betrifft somit in einem ersten Aspekt ein tumorspezifisches Polypeptid mit der Bezeichnung B345, mit der in SEQ ID NO: 4 angegebenen Aminosäuresequenz oder ein Polypeptid, das von einem Polynukleotid kodiert wird, das unter stringenten Bedingungen mit einem Polynukleotid der in SEQ ID NO:3 dargestellten Sequenz
- 20 oder einer Teilsequenz davon hybridisiert, sowie davon abgeleitete Proteinfragmente oder Peptide.

In einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung ein isoliertes DNA-Molekül, kodierend für das tumorspezifische Polypeptid der Bezeichnung B345.

- 25 Bevorzugt ist das erfindungsgemäße DNA-Molekül ein Polynukleotid der in SEQ ID NO: 3 dargestellten Sequenz oder ein Fragment davon oder ein DNA-Molekül, das mit einem DNA-Molekül der in SEQ ID NO: 3 dargestellten

Sequenz oder einer Teilsequenz davon unter stringenten Bedingungen hybridisiert, oder ein Fragment davon.

Unter „stringenten Bedingungen“ wird z.B. verstanden: Inkubation über Nacht bei 65°C - 68°C mit 6xSSC (1xSSC =
 5 150 mM NaCl, 15 mM Tri-Natriumcitrat), 5xDenhardt's Lösung, 0.2%SDS, 50 µg/ml Lachsspermien-DNA, daran anschließend Waschen zweimal 30 min mit 2xSSC, 0.1% SDS bei 65°C, einmal 30 min mit 0.2xSSC, 0.1% SDS bei 65°C und gegebenenfalls abschließendes Spülen mit 0.1xSSC,
 10 0.1%SDS bei 65°C, oder äquivalente Bedingungen.

Die erfindungsgemäßen DNA Moleküle kodieren für (Poly)peptide der Bezeichnung B345 mit der in SEQ ID NO:4 dargestellten Aminosäuresequenz bzw. für davon abgeleitete Proteinfragmente oder Peptide; damit sind
 15 DNA Moleküle bzw. Fragmente mitumfasst, die durch die Degeneration des genetischen Codes Abweichungen von der in SEQ ID NO:3 dargestellten Sequenz aufweisen

In einer Ausführungsform der Erfindung betrifft die Erfindung ein isoliertes DNA-Molekül der in SEQ ID NO:3
 20 dargestellten Sequenz oder ein Fragment davon, oder ein DNA-Molekül, das mit einem DNA-Molekül der in SEQ ID NO:3 dargestellten oder mit einer Teilsequenz davon hybridisiert, kodierend für das natürliche B345-Polypeptid bzw. für ein Fragment davon.

25 Die B345-DNA-Moleküle können in einer sog. DNA-Vakzine für die Immuntherapie von Tumoren verwendet werden.

Dabei können die B345-DNA-Moleküle der Erfindung, vorzugsweise in rekombinanter Form als Plasmide, direkt oder als Bestandteil eines rekombinanten Virus, oder

Bakteriums verabreicht werden. Prinzipiell kann jede
gentherapeutische Methode für die Immuntherapie von
Krebs auf Basis von DNA ("DNA-Vakzine") auf B345-DNA
angewendet werden, und zwar sowohl *in vivo* als auch
5 *ex vivo*.

Beispiele für die *in vivo* Verabreichung sind die direkte
Injektion von "nackter" DNA, entweder intramuskulär oder
mittels Gen-Pistole ("gene gun") von der sich gezeigt
hat, daß sie zur Bildung von CTLs gegen Tumorantigene
10 führt. Beispiele für rekombinante Organismen sind
Vaccinia Virus, Adenovirus oder Listeria monocytogenes
(eine Übersicht wurde von Coulie, 1997, gegeben).
Desweiteren können synthetische Träger für
Nukleinsäuren, wie kationische Lipide, Mikrosphären,
15 Mikrokügelchen oder Liposomen für die *in vivo*
Verabreichung von Nukleinsäure-Molekülen, kodierend für
B345-Peptid verwendet werden. Verschiedene Hilfsstoffe,
die die Immunantwort verstärken, können mitverabreicht
werden, z.B. Zytokine, entweder in Form von Proteinen
20 oder dafür kodierenden Plasmiden. Die Applikation kann
gegebenenfalls mit physikalischen Methoden, z.B.
Elektroporation, kombiniert werden.

Ein Beispiel für die *ex vivo* Verabreichung ist die
Transfektion dendritischer Zellen, wie von Tuting, 1997,
25 beschrieben, oder anderer APCs, die als zelluläre
Krebsvakzine zur Anwendung kommen.

Die vorliegende Erfindung betrifft somit in einem
weiteren Aspekt die Verwendung von Zellen, die B345
exprimieren, entweder von sich aus oder, in
30 gegebenenfalls modifizierter Form, nach Transfektion mit

der entsprechend kodierenden Sequenz, für die Herstellung einer Krebsvakzine.

Alternativ zur natürlichen B345-cDNA bzw. Fragmenten davon können modifizierte Derivate verwendet werden.

- 5 Diese umfassen Sequenzen mit Modifikationen, die für ein Protein(fragment) bzw. Peptide mit stärkerer Immunogenität kodieren, wobei für die Modifikationen auf DNA-Ebene dieselben Überlegungen gelten wie für die oben beschriebenen Peptide. Eine weitere Art der Modifikation
- 10 ist die Aneinanderreihung zahlreicher Sequenzen, kodierend für immunologisch relevante Peptide, nach Art einer Perlenschnur ("string-of-beads"; Toes et al., 1997). Die Sequenzen können auch durch Anfügung von Hilfselementen modifiziert werden, z.B. Funktionen, die
- 15 eine effizientere Abgabe und Prozessierung des Immunogens gewährleisten (Wu et al., 1995). Beispielsweise kann durch Anfügen einer Lokalisierungssequenz in das endoplasmatische Retikulum ("ER targeting sequence") die Prozessierung und damit
- 20 die Präsentation und letztlich die Immunogenität des Antigens erhöht werden.

- Die vorliegende Erfindung betrifft in einem weiteren Aspekt ein rekombinantes DNA-Molekül, das B345-DNA enthält, z.B. verbunden mit einer regulatorischen
- 25 DNA-Sequenz, insbesondere einer heterologen regulatorischen DNA-Sequenz, z.B. einem Promoter oder Enhancer.

- Die Erfindung betrifft in einem weiteren Aspekt Antikörper gegen B345 bzw. Fragmente davon. Polyklonale
- 30 Antikörper können in herkömmlicher Weise durch

Immunisierung von Tieren, insbesondere Kaninchen, mittels Injektion des B 345-Antigens bzw. Fragmenten davon, und anschließender Reinigung des Immunglobulins erhalten werden.

- 5 Monoklonale anti-B345-Antikörper können nach Standardprotokollen gemäß dem von Köhler und Milstein, 1975, beschriebenen Prinzip gewonnen werden, indem Tiere, insbesondere Mäuse, immunisiert, anschließend antikörperproduzierende Zellen der immunisierten Tiere
- 10 immortalisiert werden, z.B. durch Fusion mit Myelomzellen, und der Überstand der erhaltenen Hybridome mittels immunologischer Standard-Assays auf monoklonale anti-B345-Antikörper gescreent wird. Für den therapeutischen oder diagnostischen Einsatz im Menschen
- 15 können diese tierischen Antikörper gegebenenfalls auf herkömmliche Weise chimerisiert (Neuberger et al., 1984; Boulianne et al., 1984) oder humanisiert (Riechmann et al., 1988; Graziano et al., 1995) werden.

- Humane monoklonale anti-B345-Antikörper(fragmente)
- 20 können auch von sog. "Phage Display Libraries" (Winter et al., 1994; Griffiths et al., 1994; Kruif et al., 1995; Mc Guinness et al., 1996) und mittels transgener Tiere (Brüggemann et al., 1996; Jakobovits et al., 1995) gewonnen werden.

- 25 Die erfindungsgemäßen anti-B345-Antikörper können in immunhistochemischen Analysen für diagnostische Zwecke eingesetzt werden, oder als Therapeutikum in der Krebstherapie. (Ein Beispiel für die erfolgreiche Anwendung eines monoklonalen Antikörpers in der
- 30 Krebstherapie ist Herceptin; ein Antikörper gegen das

Proto-Onkogen HER2. Herceptin kann in Brustkrebs-Patienten angewendet werden, die eine Überexpression von HER2 aufweisen.)

- In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung die
- 5 Verwendung von B345-spezifischen Antikörpern, um beliebige Substanzen selektiv zu bzw. in einen Tumor zu bringen, der B345 exprimiert. Beispiele für solche Substanzen sind zytotoxische Agenzien oder radioaktive Nuklide, deren Wirkung darin besteht, den Tumor vorort
- 10 zu schädigen. Aufgrund der relativ tumorspezifischen Expression von B345 sind dabei nur geringe Nebenwirkungen zu erwarten. In einem weiteren Aspekt können mit Hilfe von B345-Antikörpern Substanzen zur Sichtbarmachung von Tumoren, die B345 exprimieren,
- 15 herangezogen werden. Dies ist für die Diagnose und die Bewertung des Therapieverlaufs von Nutzen. Therapeutische und diagnostische Anwendungen von Antikörpern, die für anti-B345-Antikörper in Frage kommen, sind in der WO 95/33771 beschrieben.
- 20 Das Protein der Bezeichnung B345 gemäß der vorliegenden Erfindung und die davon abgeleiteten Proteinfragmente, Peptide bzw. Peptid-Äquivalente oder Peptidomimetika können in der Krebstherapie eingesetzt werden, z. B. um eine Immunantwort gegen Tumorzellen zu induzieren, die
- 25 die entsprechenden Antigen-Determinanten exprimieren. Vorzugsweise werden sie für die Therapie von B345-positiven Tumoren verwendet, insbesondere beim Lungen- und Kolonkarzinom.

- B345 bzw. Peptide, Peptid-Äquivalente und
- 30 Peptidomimetika können für die Immuntherapie von Krebs

eingesetzt werden, wie z.B. in der WO 00/73438 beschrieben, auf deren Offenbarung hiermit Bezug genommen wird.

Es ist bekannt, dass tumorassoziierte Antigene
5 tumorspezifische Mutationen aufweisen können, die zu einer immunologischen Unterscheidung zwischen Tumor und Normalgewebe beitragen (Mandrizzato et al., 1997; Hogan et al., 1998; Gaudi et al., 1999; Wölfel et al., 1994). Um das Vorhandensein tumorspezifischer B345-Mutationen
10 festzustellen, wird, zweckmäßig mit Hilfe von Sonden aus der erfindungsgemäßen isolierten cDNA, die B345-cDNA aus einem oder mehreren unterschiedlichen Tumoren kloniert und die erhaltenen Sequenzen mit Normalgewebs-B345-cDNA verglichen. Es werden Versuche durchgeführt, die zeigen
15 sollen, ob Tumor-B345-Peptide aus einem gegenüber Normalgewebs-B345 mutierten Sequenzabschnitt im Vergleich zu Normalgewebs-B345-Peptiden aus dem entsprechenden Abschnitt eine verstärkte Immunogenität aufweisen. Um zu bestätigen, dass etwaige Mutationen
20 tumorspezifisch sind, können Antikörper gegen diese Bereiche generiert und Tumorzellen auf Expression von möglichen Mutationen untersucht werden.

Die vorliegende Erfindung betrifft somit in einem weiteren Aspekt B345-Peptide, abgeleitet von Bereichen
25 eines tumorexprimierten B345, die tumorspezifische Mutationen aufweisen.

Auf Grund der bevorzugten Expression von B345 in Tumorzellen kann angenommen werden, dass dieses Protein eine wichtige Funktion für den Tumor hat, z.B. für
30 Entstehung, Infiltration und Wachstum und somit ein

Target für die chemotherapeutische Intervention darstellt.

Im Hinblick auf seinen Einsatz als Target in der gezielten Chemotherapie wird B345 näher charakterisiert,
 5 um die geeignete Strategie für die Intervention mit dieser Funktion zu entwickeln.

Als ersten Schritt bei der sog. "down-stream" Funktionsanalyse von B345 führt man zweckmäßig in einem ersten Schritt eine bioinformatische Analyse durch, die
 10 den für die experimentelle Validierung von B345 als Target richtungweisend ist.

Für diese Analyse stellen die auf Ähnlichkeit und modularer Struktur beruhenden Bioinformatik-Konzepte eine wesentliche Grundlage dar. Etablierte
 15 bioinformatische Hilfsmittel zur Feststellung von Ähnlichkeiten sind BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>, Altschul et al., 1997) oder FASTA (Pearson & Lipman, 1988), die spezialisierten Datenbanken wie Pfam
 20 (<http://www.sanger.ac.uk/Pfam>, Bateman et al., 2000) und SMART (<http://smart.embl-heidelberg.de>, Schultz et al., 2000), welche Domänenstrukturen berücksichtigen. Zur Verfeinerung der Analyse können Applikationen wie Clustal (<http://www2.ebi.ac.uk/clustalw>, Higgins et al.,
 25 1996) HMMer (<http://hmmer.wustl.edu>), PSI-BLAST (Altschul et al., 1997) und die PROSITE Datenbank (<http://www.expasy.ch/prosite>, Hofmann et al., 1999) herangezogen werden. Statistische Analysemethoden, die nicht auf Homologien beruhen, gestatten die Vorhersage
 30 weiterer struktur- und funktionsrelevanter Eigenschaften

wie der Sekundärstruktur und des Auftretens von Transmembransegmenten und Helix-Turn-Helix-Motiven. Methoden zur Vorhersage der Sekundärstruktur von Proteinen sind verfügbar; besonders erwähnenswert ist Jpred (<http://barton.ebi.ac.uk/servers/jpred.html>, Cuff et al., 1998). Die Sekundärstrukturvorhersage kann Funktionshypothesen untermauern, etwa wenn die Struktur des vermuteten Homologen bekannt ist.

- Gemäß Bioinformatikanalyse weist B345 eine helikale Transmembrandomäne auf, wobei sowohl der N-terminale als auch der C-terminale Bereich hydrophil sind, was darauf schließen lässt, dass dieses Protein ein Transmembranprotein darstellt. Der N-terminale, extrazelluläre Bereich besitzt einige CUB-Domänen, welche zu Disulfidbrückenbildung neigen und daher bei der Dimerisierung bzw. bei Protein-Protein Wechselwirkungen beteiligt sind (Bork et al., 1993). Das C-terminale, intrazelluläre Ende zeigt Homologien zu einer Rezeptorkinase und zu einem C-Kinase Substrat.
- In weiterer Folge wird B345 einer biochemischen und biologischen Analyse unterworfen.

- In einem nächsten Schritt wird die Funktion von B345 für das Tumorgeschehen aufgeklärt; z.B. durch Proliferationsassays in vitro oder in Tiermodellen, die das zu untersuchende B345-Gen überexprimieren (konstitutiv oder induzierbar) und als Kontrolle entweder in deletierter (inaktiver) Form exprimieren oder über Antisense hinunterregulieren (siehe z.B. Grosveld und Kollias, 1992).

B345 kann in Screening-Assays verwendet werden, um Substanzen zu identifizieren, die die Aktivität dieses Proteins modulieren, insbesondere inhibieren. In einer Ausführungsform kann ein derartiger Assay z. B. darin
5 bestehen, das B345 Protein, oder ein aktives Fragment davon, in Zellen, die auf die Aktivität von B345 mit Proliferation reagieren, einzubringen bzw. die entsprechende B345 cDNA in der Zelle zur Expression zu bringen, und die Proliferation der Zellen in Gegenwart
10 und in Abwesenheit einer Testsubstanz zu bestimmen.

Ein Beispiel für Testzellen sind Zellen mit niedriger Teilungsrate, z.B. primäre Zellen, die kein endogenes B345 aufweisen. Um die Eignung der Zellen für einen Screening-Assay festzustellen, werden diese mit
15 B345-cDNA transformiert, gezüchtet und mit Standard-Assays, z.B. Thymidin-Einbau, auf ihre Proliferationsfähigkeit getestet. Aufgrund einer nach B345-Expression signifikanten Erhöhung ihrer Proliferationseigenschaft können sie als Testzellen
20 eingesetzt werden, z.B. in High Throughput Screening Proliferationsassays. Beispiele für Proliferationsassays im High Throughput Format, z.B. auf Grundlage des MTS-Assays, sind in der WO 98/00713 beschrieben.

Substanzen mit proliferationshemmender Wirkung können
25 zur Behandlung von Tumoren mit starker B345-Expression verwendet werden, insbesondere beim Lungen- und Kolonkarzinom.

Figurenübersicht:

- Fig. 1A: Expressionsprofil von B345, B452 und B540 in individuellen Lungenkarzinomen und Lungentumorzelllinien.
- 5 Fig. 1B: Expressionsprofil von B345 in normalem Dickdarmgewebe und Tumorzelllinien.
- Fig. 1C: Graphische Darstellung des Alignments von B345, B452 und B540.
- Fig. 2A: Northern Blot Analyse der Tumorzelllinie A549 mit einem 490bp langem B345 PCR-Produkt
- 10 Fig. 2B: Northern Blot Analyse verschiedener Normalgewebe mit einem 490bp langem B345 PCR-Produkt
- Fig. 2C: Northern Blot Analyse verschiedener Krebsgewebe mit einem 318bp langen B345 PCR-Produkt
- 15 Fig. 3 mRNA Expressionsanalyse von B345 durch real-time PCR von Tumor- und Normal-Geweben.
- Fig. 4: mRNA Expressionsanalyse von B345 durch real-time PCR von Laser-Mikroskop-präparierten Dickdarmtumoren (LCM) sowie normalem Dickdarmgewebe und Tumorzelllinien.
- 20 Fig. 5: Graphische Darstellung der Genstruktur von B345.
- Fig. 6: Hydrophilizitäts-und Transmembran-Blot des B345-Proteins
- 25 Fig. 7: Potentielle Proteinstruktur von B345

Tabellenübersicht

| | | |
|----|----------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 5 | Tab. 1: | Zusammenfassung der Northern Blot Daten von B345 in verschiedenen Normalgeweben (1A), Krebszelllinien (1B); und verschiedenen Normalgeweben im Vergleich mit dem entsprechenden Tumorgewebe (1C) |
| 10 | Tab. 2A: | Zusammenfassung der Daten der quantitativen PCR von B345 in verschiedenen Normal- und Krebsgeweben |
| 15 | Tab. 2B: | Zusammenfassung der Daten der quantitativen PCR von B345 in verschiedenen Normalgeweben und mikrodisektierten Kolonadenokarzinom Geweben |

Zeichenerklärung

| | | |
|----|-----|-----------------|
| | +++ | extrem positiv |
| | ++ | stark positiv |
| 20 | + | positiv |
| | (+) | schwach positiv |
| | - | negativ |

Beispiel 1

RDA („Representational Difference Analysis“) von der humanen Adenokarzinom-Zelllinie der Lunge (A549) und normalem Lungengewebe

- Die von ATCC bezogene humane Lungenadenokarzinom-
- 5 Zelllinie A549 (CCL 185) wurde in T150 Zellkulturflaschen hochgezüchtet. Als Nährmedium diente MEM mit 10% hitze-inaktiviertem, fötalem Kälberserum und 2 mM L-Glutamin. Alle 3 bis 4 Tage wurden die Zellen durch Trypsinisieren 1:5 bis 1:10 zur Propagation gespalten. Nach Erreichen
- 10 von etwa 80% Konfluenz wurden pro T150 Zellkulturflasche 4 ml einer Trypsinlösung (Angaben pro Liter: 8g NaCl, 0,2g KCl, 1,13g Na₂HPO₄-wasserfrei, 0,2g KH₂PO₄, 100ml 2,5% Trypsinlösung, 1g EDTA-Na-Salz; pH 7,2 - 7,4) zum Ernten der Zellen eingesetzt. Die 4 ml wurden in ein
- 15 15 ml Falconröhrchen transferiert, mit 8 ml PBS versetzt, bei 1200 rpm in einer Haereus Tischzentrifuge (Megafuge 2.0R) 5 min bei 4°C zentrifugiert, das Zellpellet mit 1 ml Lysis-Puffer (10mM Tris-HCl pH8, 140mM NaCl, 1,5 mM MgCl₂, 0,5% NP40) versetzt, kräftig
- 20 geschüttelt und in einem 2 ml Eppendorfgefäß bei 12 000 rpm und 4°C 5 min in einer Sigma Tischzentrifuge (Sigma 202 MK) abzentrifugiert. Der Überstand wurde in ein neues Eppendorfgefäß transferiert und nach Zusatz von 55 µl 20% SDS-Lösung zweimal mit dem doppelten
- 25 Volumen an einer CHCl₃/Phenol (1:1 v/v) Mischung und einmal mit dem einfachen Volumen an CHCl₃ extrahiert. Die wässrige RNA-enthaltende Phase wurde mit 1/10 Volumen an 3M NaAc (pH5) und dem zweifachen Volumen an 96% EtOH versetzt und über Nacht bei -20°C die RNA präzipitiert.
- 30 Ausgehend von 1 mg Gesamt-RNA wurde für die Isolierung von poly-A(+)RNA mittels des PolyATtract Kit (Promega) entsprechend dem Hersteller-Protokoll vorgegangen. Die

Lagerung der A549 poly-A(+)RNA mit einer Konzentration von 1 mg/ml in DEPC-behandeltem H₂O erfolgte in Aliquots bei -80°C.

Zur Durchführung der repräsentativen Differenzanalyse (RDA; Hubank and Schatz, 1994; Diatchenko et al., 1996) wurde die poly-A(+)RNA der Lungenadenokarzinom-Zelllinie A549 als „tester“, die von normalem Lungengewebe (1 mg/ml; Clontech, Palo Alto; #6524-1) als „driver“ eingesetzt. Die RDA wurde unter Verwendung des PCR-select™ kit (Clontech, Palo Alto) entsprechend dem Hersteller-Protokoll durchgeführt, mit der Ausnahme, dass ein modifiziertes Primer/Adaptor-2-Oligonukleotidsystem zum Einsatz kam: Adaptor-2-alt-1 (SEQ ID NO:31) und nested-PCR-primer-2-alt (SEQ ID NO: 32) und Adaptor-2-alt-2 (SEQ ID NO: 33). Die neu generierten Primer/Adaptor-Sequenzen ermöglichen durch die Anwesenheit von drei neuen Restriktionsenzymchnittstellen (Kpn I, Sac I und Xho I) in der Sequenz des nested-PCR-primer-2-alt nach Klonierung der subtrahierten cDNA-Fragmente in den pPCRII-Vektor ein nachträgliches Herausschneiden der jeweiligen cDNA-Fragmente. Das Designen einer Primer/Adaptorsequenz mit mehreren verfügbaren Restriktionsenzymchnittstellen war deshalb notwendig, weil besonders in den Primersequenzen - bedingt durch die PCR-Amplifikationsschritte- oft Punktmutationen zu beobachten waren.

Nach der Synthese von doppelsträngiger cDNA mittels oligo-dT wurde die erhaltene cDNA von "tester" und "driver" mit RsaI verdaut (RsaI ist ein 4-Basen erkennendes Restriktionsenzym und liefert im

statistischen Mittel 256 bp lange cDNA-Fragmente).

Gleiche Teile von "tester-cDNA" wurden entweder mit den Adaptoren 1 oder 2 ligiert und anschließend getrennt mit einem Überschuss an "driver-cDNA" bei 65°C hybridisiert.

5 Danach wurden die beiden Ansätze vereinigt und einer zweiten Hybridisierung mit frischer denaturierter "driver-cDNA" unterworfen. Die angereicherten "tester"-spezifischen cDNAs wurden anschließend durch PCR, mit für die Adaptoren 1 bzw. 2 spezifischen Primern, 10 exponentiell amplifiziert. Für eine weitere Anreicherung wurde ein Aliquot dieser Reaktion einer zweiten PCR mit spezifischen nach innen versetzten ("nested") Primern unterworfen. Die aus dieser Reaktion resultierenden, exponentiell amplifizierten cDNA-Fragmente wurden direkt 15 in den pCRII-Vektor (Invitrogen; "TA-cloning vector") ligiert und anschließend ein Drittel des Ligationsansatzes in kompetente *E. coli* (OneShot™, Invitrogen) transfiziert.

712 positive Transformanten (Blau-Weiß-Selektion) wurden 20 erhalten und in 96-Napf Blöcken in LB-Amp Medium (1,3 ml pro Napf) für 48 h bei 37°C kultiviert. Pro Napf wurden 750 µl der *E. coli* Suspensionen für die Präparation der Plasmid-DNA eingesetzt (96-Napf- Minipräparationsmethode von QIAGEN nach Vorschrift des Herstellers). Die 25 verbleibenden Bakterienkulturen wurden als Glycerinstammkulturen bei -80°C gelagert.

Es wurde eine aus 712 Einzelklonen bestehende cDNA-Subtraktionsbibliothek erhalten, die sowohl in Form von *E. coli* Glycerin-Stammkulturen als auch in Form 30 gereinigter Plasmide vorlag.

Beispiel 2

DNA-Sequenzierung und Annotation von TAA-Kandidaten

Die isolierte Plasmid-DNA sämtlicher 712 Klone (siehe
5 Beispiel 1) wurde nach der Sanger-Methode auf einem
ABI-377 Prism Gerät sequenziert. Die erhaltenen
Sequenzen wurden mittels der BioScout-Software (LION,
Heidelberg) annotiert und Datenbankvergleichen (Genbank)
unterzogen. Von 712 Klonen konnten 678 sequenziert und
10 annotiert werden. Der Rest (34) wies als Insert entweder
nur poly(A) Sequenzen auf oder entsprach einem
religierten Vektor oder war nicht sequenzierbar. Von den
678 annotierbaren Sequenzen erwiesen sich 357 als Gene
mit bekannter Funktion. Die restlichen
15 321 repräsentierten Klone, kodierend für Gene mit
unbekannter Funktion; 59 davon wiesen nicht einmal
Einträge in der humanen EST-Datenbank auf. Bekannte Gene
wurden nicht weiter behandelt. Für jene unbekannten
Gene, für die ein EST-Eintrag verfügbar war, wurde eine
20 Abschätzung des Expressionsprofils vorgenommen: dabei
wurden all jene ESTs mit > 95% Identität (BLAST), die
zur entsprechend experimentell ermittelten Sequenz der
Subtraktionsbibliotheken gehörten, überprüft. Bei der
Annotation wurde eine Unterteilung in a) kritische
25 Normalgewebe, b) fötale, "verzichtbare" und
immunprivilegierte Gewebe und c) Tumore und Tumor-
Zelllinien vorgenommen. Auf der Basis dieses "virtuellen
mRNA-Profiles" ("virtueller Northern blot") wurden
200 Klone, für die keine ESTs in der Gruppe a) gefunden

wurden, für weitere experimentelle Analysen ausgewählt (inklusive der 59 Klone, für die keine EST-Eintragung vorlag). Zur weiteren Einengung der Kandidatenklone wurden aus den von den 200 ausgewählten Klonen

5 ermittelten Sequenzen Oligonukleotidprimerpaare entworfen und synthetisiert. Es wurden zunächst 8 verschiedene, von humanem Gewebe abgeleitete cDNA-Bibliotheken (GibcoBRL "SUPERSCRIPT™"), welche

10 direktional in pCMV-SPORT kloniert sind, mittels qualitativer PCR auf das Vorhandensein der jeweiligen Kandidaten getestet. Die dabei eingesetzten cDNA-Bibliotheken stammten aus Gewebe von Herz

(#10419-018), Leber (#10422-012), Leukozyten (#10421-022), Niere (#10420-016), Lunge (#10424-018),

15 Testis (#10426-013), Gehirn (#10418-010) und fötalem Gehirn (#10662-013). Die PCR-Bedingungen waren wie folgt: 20 µl Gesamtvolumen pro PCR-Ansatz enthielten 1 x TaqPol-Puffer (50mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH9, 0,1% Triton X-100), 1,5 mM MgCl₂, 0,2 mM dNTPs (Promega),

20 0,025 U/µl Taq-DNA-Polymerase (Promega), jeweils 5 pM an spezifischen Oligonukleotidprimer für B345 (B345-D, SEQ ID NO: 34) und (B345-U, SEQ ID NO: 35) sowie 100 ng der jeweils zu untersuchenden Plasmid-DNA. Zur Kontrolle wurden spezifische Primer für GAPDH (SEQ ID NO:36

25 und 37) eingesetzt. Zur Überprüfung des selektiven Nachweises wurden die jeweiligen B345 spezifischen Primerpaare Oligonukleotidprimer (SEQ ID NO:34) und (SEQ ID NO:35) parallel auch auf das isolierte Plasmid mit dem B345 "original Fragment" hin ausgetestet

30 (ursprünglich isoliertes cDNA-Fragment von B345). Die

Nachweisbarkeit von Fragmenten der zu erwartenden Länge mit starkem Signal in einem der kritischen Normalgewebe (Herz, Leber, Lunge, Niere und Leukozyten), nicht jedoch in den cDNA-Bibliotheken aus immunprivilegierten Geweben (Gehirn, fötales Gehirn und Testis) unter diesen PCR-Bedingungen (1 Zyklus: 3' 94°C; 35 Zyklen: 1' 94°C - 1' 55°C - 1' 72°C; 1 Zyklus: 7' 72°C) wurde als Ausscheidungskriterium definiert. Mittels dieser qualitativen PCR-Analyse konnte die Zahl der Kandidaten auf 56 eingeengt werden; Klon B345 befand sich in dieser bereits vorselektionierten Kandidatengruppe.

Beispiel 3

Expressionsanalyse durch cDNA Chip Hybridisierung

Für das Design eines cDNA Chips wurden von der dBEST Datenbank über Nukleotid-Sequenzsuche eine Reihe von Klonen ausgewählt, die zu verschiedensten Funktionskategorien, wie Apoptose bis zur Zellzyklus-Regulation, gehören. Insgesamt wurden 1299 IMAGE Klone (davon repräsentieren 1024 bereits bekannte Gene) bestellt und zur Kontrolle sequenziert.

10 Mikrotiterplatten mit Bakterien, die ca. 800 bp lange Sequenzen vom 3`Ende des Gens im Vektor enthalten, wurden an Incyte Pharmaceuticals, Inc. (USA) geschickt und diese dort auf 60 Chips gespottet. Neben diesen Klonen wurden auch 120 durch RDA identifizierten EST

15 Klone auf die Chips gespottet. Die so produzierten DNA Chips wurden anschließend mit Cy3 markierter cDNA aus Normalgewebe, Tumorgewebe und Zelllinien zusammen mit Cy5 markierter cDNA aus einer Mischung von neun verschiedenen Normalgeweben hybridisiert und die beiden

20 Signale zur Normalisierung der Expressionswerte verglichen. Die Berechnungen erfolgten teilweise in S-Plus oder in Microsoft Excel. Die Auswertung der Chip Experimente ergab ein sehr ähnliches Expressionsprofil für B345, B540 und B452 bei der Hybridisierung mit

25 Lungenkrebs Proben von Zelllinien und Patientenmaterial (Siehe Fig. 1A). Solch ein tumorassoziiertes Expressionsprofil konnte für B345 auch bei Vergleich von Kolon Adenokarcinom mit Kolon Normalgewebe gezeigt werden (Siehe Fig. 1B).

Das Sequenzalignment von B345, B540 und B452 zeigte eindeutig ein Überlappen der einzelnen EST Fragmente. Daher konnte man annehmen, dass es sich bei den drei Klonen um ESTs von ein und dem selben Gen handelt. Der

5 daraus resultierende DNA Abschnitt deckt eine Länge von 843 bp ab (Siehe Fig. 1C) und wurde in weiteren Versuchen zur Durchsuchung von öffentlichen Datenbanken verwendet. Die Suchergebnisse lieferten keine

signifikante Homologie zu bekannten DNA bzw. Protein

10 Sequenzen, was darauf hindeutet, dass es sich bei B345 um ein bis lang unbekanntes Gen handelt.

Beispiel 4

Expressionsanalyse von B345 mittels Northern Blots

15 Bei B345 handelt es sich um ein Gen, das laut DNA Chip Analysen in Tumorgewebe (siehe Fig. 1A und 1B, Tab. 1a und Tab. 1B) hochreguliert ist.

Um einerseits das erhaltene Transkriptionsprofil zu bestätigen und andererseits die Länge der zu erwartenden

20 mRNA für die full size Klonierung zu bestimmen, wurde für B345 eine Northern Blot Analyse unter Einsatz von humanen Zelllinien und des "Human Multiple Tissue Northern Blots" (Clontech und Invitrogen) durchgeführt. Als Sonden dienten die mit $[\alpha\text{-}^{32}\text{P}]\text{dCTP}$ (NEN, Boston)

25 markierten 490 bp bzw. 318bp langen PCR Produkte von B345 (Primer (SEQ ID NO:5 und SEQ ID NO:6 bzw. SEQ ID NO:7 und SEQ ID NO:8)). Die Hybridisierung erfolgte bei 68° für 2 h; die Visualisierung durch Standard-

Autoradiografie (Hyperfilm, Amersham). Fig. 2A, 2B und 2C sowie Tab. 1a und Tab. 1B, 1C zeigen das Ergebnis dieser Analyse: Fig. 2A von der Zelllinie A549, Fig. 2B von 12 Normalgeweben (Periphere Blut Lymphozyten (PBL), 5 Lunge, Placenta, Dünndarm, Leber, Niere, Milz, Thymus, Kolon, Skelettmuskel, Herz und Hirn) und Fig. 2C von 8 Krebszelllinien (Promyelozytische Leukämie HL60, HeLa-S3, chronische myelogene Leukämie K-562, lymphoblastische Leukämie MOLT-4, Burkitt's Lymphom 10 (Raji), Kolon Adenokarzinom SW480, Lungen Adenokarzinom A549 und Melanom G361). Das B345-Transkript zeigt eine Länge von 6,5 kb.

Beispiel 5

15 Analyse des Expressionsprofils von B345 auf RNA-Ebene mittels quantitativer RT-PCR (real time PCR oder TaqMan-Analyse)

Um eine exaktere Quantifizierung der mRNA Expression in den verschiedenen normal und Tumorgeweben durchzuführen, 20 wurde die "real time PCR" angewandt, die es erlaubt die RNA Konzentration im Vergleich zu einen externen Standard zu berechnen.

Die Isolierung der RNA aus Gefriergewebe erfolgte mit Trizol gemäß dem Herstellerprotokoll von Gibco. Zur 25 Entfernung von etwaig kontaminierender DNA wurde die präparierte RNA wie folgt mit DNAase I verdaut: 3 µg Gesamt-RNA wurden mit 20 µl 5× AMV Puffer (Promega), 1 µl RNasin (Promega) und 2 µl DNase I (Boehringer

Mannheim) in einem Gesamtvolumen von 80 μ l 15 Minuten bei 37°C inkubiert. 120 μ l Phenol : Chloroform : Isoamylalkohol (25:24:1) wurden zugegeben, auf einem Vortexer gemischt und kurz abzentrifugiert. Die wässrige Phase wurde abgenommen, mit 120 μ l Chloroform: Isoamylalkohol (24:1) versetzt und wie vorher zentrifugiert. Die gereinigte RNA wurde Ethanol-gefällt und in Wasser gelöst.

Anschließend wurde die Gesamt-RNA mit reverser Transkriptase (Superscript, Gibco, BRL) in cDNA umgeschrieben: Zu 3 μ g Gesamt-RNA wurden 1 μ l Oligo dT primer (Promega) zugegeben und mit Wasser auf ein Endvolumen von 10 μ l gebracht. Nach einer Inkubation von 5 Minuten bei 70°C wurde die Lösung 5 Minuten bei Zimmertemperatur abgekühlt. 5 μ l RT reaction buffer (5 \times , Gibco, BRL), 2,5 μ l dNTPs (je 10 mM, Boehringer Mannheim), 1 μ l RNasin (10U/ μ l, Promega), 1,5 μ l Superscript (10 U/ μ l, Gibco, BRL) und 5 μ l Wasser wurden zugegeben und 1 Stunde bei 42°C inkubiert und die Reaktion durch Inkubation von 3 Minuten bei 95°C beendet.

Zur Herstellung eines cDNA-pools eines bestimmten Gewebe oder Tumortyps wurden 3 bis 10 verschiedene Einzelpräparationen von unterschiedlichen Patienten in gleichen Anteilen gemischt.

Die quantitative Bestimmung der "Haushaltsgene" β -Aktin, GAPDH und Tubulin in cDNA-pools wurde wie folgt durchgeführt:

A) β -Actin-TaqMan PCR (Perkin Elmer)

Details über das Prinzip der TaqMan Methode siehe Herstellerinformation (Perkin Elmer). Ein TaqMan PCR Lauf beinhaltete Proben an β -Actin-Kontrollsequenz mit je 10^2 , 10^3 , 10^4 , 10^5 und 10^6 Kopien/ μ l (Perkin Elmer) zur Bestimmung der Standardkurve, eine Negativkontrolle ohne DNA und die zu quantifizierenden cDNA-pools. Alle Proben wurden in Triplikaten analysiert. Für einen 25 μ l Reaktionsansatz wurden 1 μ l cDNA, 2,5 μ l 10 \times Puffer A (Perkin Elmer), 4 μ l $MgCl_2$ (25 mM, (Perkin Elmer)), 0,5 μ l je Nukleotid (10 mM dATP, dCTP, dGTP; 20 mM dUTP), 0,125 μ l TaqMan Sonde (20 μ M; TaqMan Sonde für β -Aktin (SEQ ID NO: 20 fluoreszenzmarkiert am 5'-Ende mit 6-Carboxyfluorescein und mit 6-Carboxytetramethylrhodamine am 3'-Ende), 1 μ l je β -Aktin spezifischer Primer (je 20 μ M, Forward Primer SEQ ID NO:21 und Reverse Primer SEQ ID NO:22), 0,25 μ l AmpErase uracil N-Glycosylase "UNG" (1 U/ μ l, Perkin Elmer), und 0,125 μ l AmpliTaq Gold (5 U/ μ l, Perkin Elmer) gemischt, in MicroAmp Optical Tubes (Perkin Elmer) überführt und mit MicroAmp Optical Caps verschlossen. Die PCR wurde folgendermaßen durchgeführt: ein Zyklus mit 2 Minuten 50°C für die UNG Reaktion, ein Zyklus 10 Minuten 95°C zur Aktivierung der AmpliTaq, 40 Zyklen mit je 15 Sekunden 95° und 1 Minute 60°C. Anschließend wurden die Proben auf 25°C gehalten. Die Auswertung der Daten erfolgt mit dem Programm "Sequence Detection System 1.5b1" (PE Applied Biosystems), wobei im Prinzip die Fluoreszenzsignale der zu quantifizierenden cDNA-Proben mit den Signalen der

Kontrollplasmidverdünnungen bekannter Konzentration verglichen wurden.

B) GAPDH-TaqMan PCR

Für die Quantifizierung von GAPDH, das wie β -Aktin oder
 5 Tubulin zur Normalisierung der eingesetzten RNAs
 verwendet wurde, sind folgende Primer bzw. Sonden
 eingesetzt worden. Als TaqMan Sonde für GAPDH diente
 (SEQ ID NO: 23) eine am 5'-Ende mit
 Tetrachlorfluorescein und am 3'-Ende mit
 10 Carboxymethylrhodamin markierte Sonde (Forward GAPDH
 Primer: SEQ ID NO: 24 und Reverse Primer: SEQ ID NO:25).
 Die Reaktionen wurden wie oben beschrieben durchgeführt.

C) Tubulin-SybrGreen PCR (Perkin Elmer)

Prinzip der SybrGreen PCR siehe Herstellerinformation
 15 (Perkin Elmer). Ein SybrGreen PCR Lauf beinhaltete
 Proben an Tubulin-Kontrollplasmid mit je 10^2 , 10^3 , 10^4 ,
 10^5 und 10^6 Kopien/ μ l (Perkin Elmer) zur Bestimmung der
 Standardkurve, eine Negativkontrolle ohne DNA und die zu
 quantifizierenden cDNA-pools. Alle Proben wurden in
 20 Triplikaten analysiert. Für einen 25 μ l Reaktionsansatz
 wurden 1 μ l cDNA, 2,5 μ l 10x SybrGreen Puffer (Perkin
 Elmer), 3,5 μ l $MgCl_2$ (25 mM, Perkin Elmer)), 0,5 μ l je
 Primer (je 20 μ M, Perkin Elmer, Tubulin Forward (SEQ ID
 NO:26); Tubulin reverse (SEQ ID NO:27), 0,25 μ l AmpErase
 25 uracil N-Glycosylase "UNG" (1 U/ μ l, Perkin Elmer), und
 0,25 μ l AmpliTaq Gold (5 U/ μ l, Perkin Elmer) gemischt,
 in MicroAmp Optical Tubes (Perkin Elmer) überführt und
 mit MicroAmp Optical Caps verschlossen. Die PCR wurde

folgendermaßen durchgeführt: ein Zyklus mit 2 Minuten
 50°C für die UNG Reaktion, ein Zyklus 10 Minuten 95°C
 zur Aktivierung der AmpliTaq, 40 Zyklen mit je 15
 Sekunden 95° und 1 Minute 60°C. Anschließend wurden die
 5 Proben auf 25°C gehalten. Die Auswertung der Daten
 erfolgt mit dem Programm "Sequence Detection System
 1.5b1" (PE Applied Biosystems), wobei im Prinzip die
 Fluoreszenzsignale der zu quantifizierenden cDNA-Proben
 mit den Signalen der Kontrollplasmidverdünnungen
 10 bekannter Konzentration verglichen wurden.

D) B345-TaqMan PCR

Die quantitative TaqMan-PCR-Analyse von B345 wurde, wie
 für die "Haushaltsgene" beschrieben, durchgeführt. Es
 wurden jedoch B345 spezifische Primer (SEQ ID NO:28 und
 15 SEQ ID NO:29) (200 ng/ μ l) und eine B345 spezifische
 Sonde (SEQ ID NO:30, 20 μ M), die am 5'-Ende mit
 Tetrachlorfluorescein und am 3'-Ende mit
 Carboxymethylrhodamin markiert ist, verwendet. Als
 Standard wurde das PCR Produkt von B345 mit den Primern
 20 SEQ ID NO:28 und SEQ ID NO:29 mit bekannter Kopienzahl
 eingesetzt.

Fig. 3 veranschaulicht die TaqMan- Expressionsanalyse
 (Fig. 3A: β -Actin; Fig. 3B: Tubulin). Es zeigte sich,
 dass B345 höher in Dickdarmkrebsgewebe als in
 25 Normalgewebe exprimiert ist (siehe Tab. 2a). Nun stellt
 aber sowohl das Normalgewebe als auch das Tumorgewebe
 ein sehr heterogenes Gemisch von verschiedenen Zelltypen
 dar. Weiteres variiert der Anteil von Tumorzellen im
 Tumorgewebe sehr stark von etwa 30 bis 80%. Um diese

- biologische Heterogenität auf ein Minimum zu beschränken, wurden die Epithelzellen des Dickdarms, die die Ursprungszellen des Adenokarzinoms darstellen, und die Krebszellen oder Krebsareale durch Laser-
- 5 Mikrodissektion spezifisch präpariert. Gewebeschnitte von 10µm Stärke wurden mit dem Kyromikrotom von Leica, Jung CM1800 angefertigt und auf einen mit Polyethylen beschichteten Objektträger aufgebracht (Böhm et al., 1997). Die bei Raumtemperatur für etwa 30 Minuten
- 10 getrockneten Schnitte wurden mit Mayers Hämatoxylin (SIGMA DIAGNOSTICS) inkubiert und anschließend zur Entfernung von unspezifisch gebundenen Farbstoff fünf Minuten unter fließendem Wasser gewaschen. Nach fünf minütigem Trocknen bei 37°C wurde die Laser-
- 15 Mikrodissektion durchgeführt. Dafür wurde das Lasermikroskop von PALM (PALM GmbH, Bernried, Deutschland) eingesetzt und etwa 2000 bis 5000 Zellen präpariert. Die durch Reverse Transkription gewonnene cDNA, wurde auch hier durch Real Time PCR analysiert.
- 20 Das Ergebnis zeigt, dass die B345 Expression in Dickdarmkarzinom Zelllinien sowie in Patientenmaterial um ein Vielfaches höher ist als vergleichsweise die des Dickdarmnormalgewebes. Zur Normalisierung wurde der Expressionslevel von GAPDH bestimmt (siehe Fig. 4 und
- 25 Tab. 2B).

Beispiel 6

a) Klonierung der cDNA von B345

Das Durchsuchen von Datenbanken nach Sequenzen von Genfragmenten (ESTs, expressed sequence tags), die für die „in silico“ Klonierung von B345 herangezogen werden können, ergab ein überlappendes EST-Kontig von etwa 1500 bp. Der polyA-Bereich an einem der Enden gab Hinweis auf die Orientierung des DNA Abschnittes in Bezug auf 5' - 3' Orientierung, was beim Design von neuen Primern für die Amplifikation von B345-spezifischen cDNA-Fragmenten essentiell ist.

Zunächst wurde das durch die Datenbankanalyse beschriebene potentielle 3' Ende durch experimentelle Ansätze verifiziert. RNA von der Lungen-Karzinom Zelllinie Calu 6 (AACC No. HTB56) wurde mit Hilfe des Primers (SEQ ID NO:9) revers transkribiert und die resultierende einzelsträngige cDNA wurde mittels PCR mit den Gen spezifischen Primer SEQ ID NO:5 und den Adapterprimer SEQ ID NO: 10 amplifiziert.

Für einen 25 μ l PCR Ansatz wurden 1 μ l des cDNA-pools mit 2,5 μ l 10 \times Taq Puffer (Promega), 1,5 μ l MgCl₂ (25 mM, Promega), 0,5 μ l dNTPs (je 10 mM, Boehringer Mannheim), 1 μ l Primermischung (je 20 μ M), 0,15 μ l Taq Polymerase (Promega) in Wasser gemischt. Die PCR wurde wie folgt durchgeführt: 1 \times 94°C 3 Minuten; 30 \times 94°C 30 Sekunden, 55°C 30 Sekunden, 72°C 1 Minute; auf 4°C halten. Die PCR wurde auf einem 1,2% Agarosegel analysiert.

Die beiden Primer wurden anschließend zum Sequenzieren des gereinigten PCR Produktes verwendet. Die ermittelten Sequenzen zeigten eine hohe Homologie mit dem "in silico" klonierten DNA Abschnitt (inklusive des PolyA-Trakts).

Da das Klonieren von 5'-Endsequenzen einen meist sehr aufwendigen Prozess darstellt, wurden im Folgenden zur Lösung des Problems verschiedene Methoden angewandt.

Als Ausgangszelllinie wurde auch hier Calu 6 verwendet. Nach der reversen Transkription der RNA mit dem Primer SEQ ID NO:9 und der Zweitstrangsynthese wurde an die Doppelstrang-cDNA ein Linker bestehend aus den beiden Oligos SEQ ID NO:11 und SEQ ID NO:12 ligiert (Abe et al., 1992). Die daraus resultierende LoneLinker cDNA Bibliothek wurde dann mit dem Gen spezifischen Primer SEQ ID NO:6 linear über 35 Zyklen amplifiziert. Ein Aliquot der B345 angereicherten cDNA konnte anschließend mit den Primern SEQ ID NO:13 und LLEcoRIA SEQ ID NO:11 weiter amplifiziert werden. Nach der Gelelektrophorese eines Aliquots und Southernanalyse mit dem genspezifischen Oligo SEQ ID NO:14 konnte eine 5 kb Bande lokalisiert werden. In weiterer Folge wurde dieses Fragment schrittweise sequenziert und auf die Sequenz des EST-Kontigs ausgerichtet ("aligned").

Um die resultierende Sequenz aus der LLcDNA Klonierung zu überprüfen, wurden zwei Fragmente mittels PCR (SEQ ID NO:15 und SEQ ID NO:16 bzw. SEQ ID NO:6 und SEQ ID NO:17) amplifiziert und für das Screenen von Lambda gt10 cDNA Phagen Bibliotheken eingesetzt. Positive Plaques wurden isoliert und mittels den gt10 spezifischen

Primern (SEQ ID NO:18 und SEQ ID NO:19) PCR
amplifiziert. Anschließend Sequenzierung und das
Alignment mit den Sequenzen führte zu der Annahme, das
es sich hierbei um ein differenzielles Spleißprodukt
5 handelt. Die Spleißdonor, Akzeptor und Lariatsequenz
konnten in weiterer Folge gefunden werden. Mittels PCR
durch geeigneter Primerkombination wurde in
verschiedenen Zelllinien nach differenziellen
Spleißprodukten gesucht, wobei in allen gescreenten
10 Zelllinien nur ein Produkt gefunden wurde und zu der in
Fig. 5 dargestellten Genstruktur führte. Die angeführte
cDNA besitzt einen offenen Leserahmen (ORF) der für ein
potentielles Protein mit einer Länge von 749 Aminosäuren
kodiert. Die Translationsinitiationsstelle an
15 Position 215 entspricht zu etwa 75% einer Kozak-
Konsensussequenz. Die in diesem Experiment erhaltenen
Ergebnisse veranlassten dazu, in einem weiteren
Experiment (Beispiel 6b) die
Transkriptionsinitiationsstelle noch exakt durch Primer-
20 Extension zu bestimmen, um sicher zu gehen, dass das
hier ermittelte 5' Ende das tatsächliche 5'-Ende von
B345 ist. Die von der in diesem Klonierungsversuch
erhaltenen cDNA (SEQ ID NO:1) abgeleitete
Aminosäuresequenz von B345 ist in SEQ ID NO:2 gezeigt.

- 25 b) Zweiter Klonierungsversuch; Bestimmung der 5'-und
der Promotorregion von B345

Mit Hilfe des Promotor Finder DNA Walking Kit (Clontech)
und anschließender Primerextension Reaktion wurden die
5'-Region und die Promotorregion sowie die exakte
30 Transkriptionsinitiationsstelle bestimmt. Die 5'-Region

wurde mit Hilfe einer genomischen DNA Library von Clontech mit B345 spezifischen Primern (SEQ ID NO:38 bzw. nested SEQ ID NO:39) und Adaptor Primer im Kit amplifiziert. Um den exakten Transkriptionsstart zu bestimmen, wurde die Primer Extension Reaktion durchgeführt. Dafür wurde der Primer SEQ ID NO:40 am 5'-Ende mit Hilfe 10 U der T4 Polynukleotid Kinase (Promega) und 3µl [γ -³²P]ATP (3000Ci/mmol) nach Standard-Protokollen markiert (Sambrook et al., 1989). Das markierte Oligonukleotid wurde durch Präzipitation gereinigt. Für die Primerextension Reaktion wurden 10.000 cpm Oligonukleotid in einem Gesamtvolumen von 20 µl zu 25 µg Total RNA der Colo 205 Zelllinie (ATCC:CCL-222) eingesetzt.

Die RNA der Zelllinie wurde mit dem radioaktiv markiertem Primer revers transkribiert und auf ein 10%- Polyacryamidgel aufgetragen. Zur Bestimmung der genauen Bandenlänge wurde ein PCR Fragment von nt 1000 - nt 1362 mit ³⁵S markierten Nukleotiden sequenziert und ebenfalls aufgetragen. Das aus der Elongation des reversen Primers resultierende Fragment von 209 Nukleotiden legt den Transkriptionsstart genau an Position 201 fest. Somit wurde die in Beispiel 6a erhaltene B345-Sequenz in der 5'-Region erweitert und ein neues Startkodon auf Position 283 bestimmt. Durch wiederholte Sequenzierungen auch in der 3'-Region wurde, im Vergleich zur in SEQ ID NO:1 dargestellten Sequenz, eine zusätzliche Base an Position 2430 gefunden, die zu einer Leserasterverschiebung führt und somit das Stoppcodon von Position 2729 auf 2791 verschiebt. Die in diesem Versuch erhaltene cDNA (SEQ ID NO:3) besitzt einen offenen Leserahmen, der für ein potentiell

Protein mit einer Länge von 836 Aminosäuren (SEQ ID NO:4) kodiert.

Beispiel 7

5 Bioinformatik-Analyse zur Funktion von B345

Die resultierende primäre Aminosäuresequenz von B345 ist in SEQ ID NO:4 gezeigt. Die Analyse des Hydrophilizitäts Plots der Aminosäuresequenz mit der Methode von Kyte und Doolittle (1982) zeigt, dass das B345 Protein zwei
 10 charakteristische hydrophobe Domänen aufweist (Aminosäuren Pos. 1 - 29 und 666 - 691), die ein Signalpeptid und eine helikale Transmembrandomäne darstellen (Fig. 6). Diese polarisierte Struktur deutet darauf hin, dass es sich bei B345 um ein integrales
 15 Membranprotein handelt. Die Transmembranhelix verbindet einen etwa 666 Aminosäuren langen extrazellulären und einen kurzen (145 Aminosäuren) intrazellulären Teil (siehe Fig. 7).

Die extrazelluläre Domäne weist außerdem klare Indizien
 20 für die Existenz einer CUB Domäne bei Position 220 - 350 sowie Indizien für 2 mögliche weitere CUB Domänen im Bereich der Aminosäuren 425 - 660 auf. CUB Domänen kommen bei verschiedenen, meist während der Embryonalentwicklung regulierten Proteinen vor. Außerdem
 25 sind manchmal bei EGF (Epidermal Growth Factor)-ähnlichen Domänen auch CUB Domänen anzutreffen. Eine kürzlich erschienene Publikation (Gerstein et al., 2000) demonstriert, daß CUB Domänen enthaltende Proteine die am ausgeprägtesten differenziell regulierten

Proteine in *C. elegans* sind. Da Gene, die eine Schlüsselrolle in der Embryonalentwicklung haben, auch analoge Funktionen in Krebs ausführen, kann angenommen werden, dass eine Überexpression von B345 in Zellen eine
 5 Veränderung in den Eigenschaften der Substratadhäsion oder der extrazellulären Matrix bewirkt. Das Protein weist außerdem 12 potentielle N- Glycosylierungsstellen auf, die in der vorhergesagten extrazellulären Domäne zu finden sind, was mit der vorhergesagten Orientierung des
 10 Proteins übereinstimmt.

Mit einem BLAST hit (E-value: 5.8×10^{-2}) für den Bereich der Aminosäuren von 235 bis 282 von B345 konnte eine Komplement aktivierende Komponente des *RA-reactive factor* (RARF) aus *mus musculus* identifiziert werden. Das
 15 Alignment befindet sich innerhalb der CUB Domäne 1 von B345.

Die CUB-Domänen 2 and 3 (Bereich 425-535 und 545-660) weisen marginale Homologien zu dem humanen und Fugu Prokollagen C-Proteinase Enhancer Protein (PCOLCE) auf.
 20 Diese Regionen kommen in dem Bereich von PCOLCE vor, welcher ein CUB Domänen Tandem Repeat enthält (E-values: 0.5 (human) und 2.7 (Fugu)). CUB Domänen kommen manchmal in Repeats vor.

Vermutlich bildet das B345-Protein eine β -Sheet
 25 Sekundärstruktur, da sich CUB Domänen bekanntlich als β -Sandwich falten.

Die intrazelluläre Domäne (Bereich 691-836) weist keine signifikanten Homologien auf. Der gesamte C-Terminus aligned jedoch mit einem EST (AW063026) von humanen

Eierstockkrebs Zellen (82% Identität über 124 Aminosäuren).

Beispiel 8

5 Bestimmung der genauen Genstruktur von B345

Zunächst wurden Bac Klone in öffentlichen Datenbanken (BLAST search) gesucht, die das B345-Gen enthalten. Die Bac Klone Ac068625 und Ac010170 enthielten einen Großteil des Gens. Mit intronspannenden Primern wurden
 10 Spliceakzeptor und Donorsequenzen in Colo 205 cDNA und genomischer DNA als Template gesucht. Das PCR Protokoll wurde wie folgt durchgeführt: 1x 95°C 2 Minuten, 35x 95°C 15 Sekunden, 68°C 3 Minuten und dann auf 4°C gehalten. Die PCR wurde auf einem 1,2% Agarosegel
 15 analysiert und dabei die Längen der PCR Produkte der 2 Templates mit gleichen Primerkombinationen verglichen. Es stellte sich heraus, dass B345 aus 8 Exons, getrennt von 7 Introns besteht (Fig. 5).

Die chromosomale Lokalisation des Gens wurde mittels
 20 Fluoreszenz-in situ-Hybridisierung (FISH) bestimmt. Dabei wurde die humane, Digoxigenin-markierte B345 Sonde zusammen mit der Biotin-markierten Sonde von B47a2 (Knight et al., 1997), welche sich auf der subtelomerischen Region des Chromosomenarms 3p befindet,
 25 mit Metaphase-Chromosomen zweier "normaler" Individuen hybridisiert (Lichter et al., 1988). Die hybridisierte Digoxigenin-Sonde wurde mittels Anti-Schaf-Dig (Boehringer Mannheim FRG) und Kaninchen Anti-Schaf FITC-markierten Antikörpern detektiert. Die Biotin markierte

Probe dagegen wurde mit Maus Anti-Biotin und Kaninchen-Anti-Maus (TRITC) und anschließende Färbung mit DAPI sichtbar gemacht. Die FISH Resultate zeigen, dass eine Mehrheit der Metaphasen eindeutige Signale an einem oder
5 beiden Chromatiden des Chromosoms 3 in der Region p21-p23 haben. Als Bestätigung der Position diene die Co-lokalisierung der B47a2 (TRITC)-Sonde auf dem selben chromosomalen Arm.

Tab. 1A

| Gewebe | Expression |
|---------------|------------|
| PBL | - |
| Lunge | ++ |
| Plazenta | + |
| Dünndarm | + |
| Leber | - |
| Niere | ++ |
| Milz | - |
| Thymus | - |
| Kolon | + |
| Skelettmuskel | - |
| Herz | - |
| Hirn | - |

Tab. 1B

| Zelllinie | Expression |
|-------------------------------------|------------|
| promyelocytische Leukämie HL60 | - |
| HELA Zellen S3 | - |
| Chronische Myelogene Leukämie K-562 | + |
| Lymphoblastische Leukämie MOLT-4 | - |
| Burkitt's Lymphom (Raji) | - |
| Kolon Adenokarzinom SW480 | +++ |
| Lungen Adenokarzinom A549 | + |
| Melanom G361 | - |

Tab. 1C

| Gewebe | Expression |
|--------------------|------------|
| Speiseröhre Tumor | (+) |
| Speiseröhre Normal | (+) |
| Magen Tumor | - |
| Magen Normal | + |
| Kolon Tumor | +++ |
| Kolon Normal | ++ |
| Mastdarm Tumor | + |
| Mastdarm Normal | (+) |

Tab. 2A

| Gewebe | Expression B345 / Actin | Expression B345 / Tubulin |
|---------------------|----------------------------|------------------------------|
| Lunge Adenokarzinom | + | + |
| Lunge Adenokarzinom | + | + |
| Lunge Normal | - bis (+) | (+) |
| Kolon Adenokarzinom | ++ | ++ |
| Kolon Adenokarzinom | +++ | +++ |
| Kolon Normal | - bis (+) | + |
| Mamma IDC | + | + |
| Brust | - | - |
| Hodgkin's Lymphom | - | - |
| Milz | - | - |
| Testis | - | - |

Tab. 2B

| Zelllinien und Gewebe | Expression B345 / GAPDH |
|------------------------------|-------------------------|
| Kolon Adenokarzinom SW480 | + |
| Kolon Normal (Clonotech) | (+) |
| Kolon Normal (Invitrogen) | (+) |
| Lungen Adenokarzinom A549 | (+) |
| Kolon Adenokarzinom Colo 205 | +++ |
| PG 102142 Tumor (Colon Ac.) | +++ |
| PG 21900 Tumor (Colon Ac.) | ++ |
| PG 7066 Tumor (Colon Ac.) | +++ |
| PG 32389 Tumor (Colon Ac.) | ++ |

Literatur

- Abe, K., Rapid isolation of desired sequences from lone linker PCR amplified cDNA mixture: application to
 5 identification and recovery of expressed sequences in cloned genomic DNA. *Mamm. Genome* 2,252-259
- Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. and Lipman, D. J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein
 10 database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25, 3389-3402 (1997).
- Bateman, A., Birney, E., Durbin, R., Eddy, S. R., Howe, K. L. and Sonnhammer, E. L. The Pfam Protein Families Database. *Nucleic Acids Res.* 28, 263-266 (2000).
- 15 Bird, A. P. (1986). CpG-rich islands and the function of DNA methylation. *Nature* 321:209-213.
- Bork, P. et al. (1993). The CUB domain. A widespread module in developmentally regulated proteins. *J.Mol. Biol.* 231: 539-545
- 20 Boulianne, G. L., et al., (1984), *Nature* 312: 643-646
- Böhm et al., *A.J. of Pathology* 151,1:63-67, 1997
- Brüggemann, M. und Neuberger, M.S., (1996), *Immunol. Today* 17: 391-397
- Cuff, J. A., Clamp, M. E., Siddiqui, A. S., Finlay, M.
 25 and Barton, G. J. Jpred: a consensus secondary

structure prediction server. *Bioinformatics* 14,
892-893 (1998).

5 Diatchenko, L., Lau, Y.F., Campbell, A.P., Chenchik,
A., Moqadam, F., Huang, B., Lukyanov, S., Lukyanov,
K., Gurskaya, N., Sverdlov, E.D., and Siebert, P.D.
(1996), *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 93,
6025-6030.

10 Fields S, Song O (1989) A novel genetic system to
detect protein-protein interactions. *Nature* 20;
340(6230):245-6

Gaudi C, Kremer F, Angevin E, Scott V, Triebel F
(1999), *J Immunol* 162:1730-1738

15 Gerstein, M. and Jansen, R. (2000). The current
excitement in bioinformatics-analysis of whole-genome
expression data: how does it relate to protein
structure and function. *Curr. Opin. Struct. Biol.*
10:574-584.

Graziano, R.F., et al., (1995), *J. Immunol.* 155:
4996-5002

20 Griffiths, A.D., et al., (1994), *EMBO J.* 13: 3245-3260

Grosveld, F. and Kollias, G. *Transgenic Animals*,
Academic Press (1992)

25 Hamburger, A.W. and Salmon, S.E. (1977). Primary
bioassay of human tumor stem cells. *Science.* 197
(4302):461-463.

Hesketh, R., (1995), *The oncogene*, Academic Press

- Higgins, D. G., Thompson, J. D. and Gibson, T. J. Using CLUSTAL for Multiple Sequence Alignments. *Methods Enzymol.* 266, 383-402 (1996).
- Hogan KT, Eisinger DP, Cupp SBC, Lekstrom KJ, Deacon
5 DD, Shabanowitz J, Hunt DF, Engelhard VH, Slingluff CL, Ross MM (1998), *Cancer Res* 58:5144-5150
- Hofmann, K., Buchner, P., Falquet, L. and Bairoch, A. The PROSITE database, its status in 1999. *Nucleic Acids Res.* 27, 215-219 (1999).
- 10 Hubank, M. and Schatz, D.G., (1994), *Nucleic. Acids. Res.* 22, 5640-5648.
- Jakobovits, A., (1995), *Curr. Opin. Biotechnol.* 6: 561-566
- Kasten, M.B., (1997), *Genetic Instability and*
15 *Tumorigenesis*, Springer Verlag
- Knight, S. J., Horsley, S. W., Regan, R., Lawrie, N. M., Maher, E. J., Cardy, D. L., Flint, J., and Kearney, L. (1997). Development and clinical
20 application of an innovative fluorescence in situ hybridization technique which detects submicroscopic rearrangements involving telomeres. *Eur. J. Hum. Genet.* 5:1-8.
- Köhler, G. und Milstein, C. (1975), *Nature* 265, 495-497
- Kozak, M (1987), An analysis of 5`noncoding sequences
25 from 99 vertebrates messenger RNA's . *Nuc.Ac.Res.* Vol.15: 8125-8147

- Kruif, J., et al., (1995), Proc. Natl. Acad. Sci.
USA 92: 3938-3942
- Kyte, J and Doolittle, RF (1982), J. Mol. Biol. 157:
105-132
- 5 Liaw, L., Skinner, M.P., Raines, E.W., Ross, R.,
Cheresh, D.A., Schwartz, S.M., and Giachelli, C.M..
(1995). The adhesive and migratory effects of
osteopontin are mediated via distinct cell surface
integrins. Role of alpha v beta 3 in smooth muscle
10 cell migration to osteopontin in vitro.
J.Clin.Invest. 95 (2):713-724.
- Lichter, P., Cremer, T., Borden, J., Manuelidis, L.,
and Ward, D. C. (1988). Delineation of individual
human chromosomes in metaphase and interphase cells
15 by in situ suppression hybridization using
recombinant DNA libraries. *Hum. Genet.* 80:224-
234. Mandruzzato S, Brasseur F, Andry G, Boon T, van
der Bruggen P (1997) , *J Exp Med* 186:785-793
- McGuinness, B.T., et al., (1996), *Nature Biotechnol.* 14,
20 1149
- Neuberger, M.S., et al., (1984), *Nature* 312: 604-608
- Pearson, W. R. and Lipman, D. J. Improved tools for
biological sequence comparison. *Proc. Natl. Acad.*
Sci. USA 85, 2444-2448 (1988).
- 25 Puzstal et al., 1996, cell proliferation in cancer,
Oxford medical publications

Rauscher, F.J. et al., (1997), Chromosomal translocations and oncogenic transcription factors, Springer Verlag

Riechmann, L., et al., (1988), Nature 332: 323-327

- 5 Sambrook, J., Fritsch, E.F., and Maniatis, T. (1989). "Molecular Cloning: A laboratory Manual" 2nd ed., Cold Spring Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY.

- Schultz, J., Copley, R. R., Doerks, T., Ponting, C. P. and Bork, P. SMART: A Web-based tool for the study of
10 genetically mobile domains. Nucleic Acids Res. 28, 231-234 (2000).

- Toes, R.E., Hoeben, R.C., Van der Voort, E., Ressing, M.E., Van-der-Eb, A.J. Melief, C.J.M., and Offringa, R. (1997), Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 94 (26):
15 14660-14665

Velculescu, VE, Zhang, L, Vogelstein, B, and Kinzler, KW (1995), Science 270: 484-487

Winter, G., et al., (1994), Annu. Rev. Immunol. 12, 433-455

- 20 Woelfel, T, Schneider, J, Zum Buschenfelde, Meyer, KH, Rammensee, HG, Rotzschke, O, and Falk, K (1994), Int. J. Cancer 57: 413-418

- Wu, T.C., Guarnieri, F.G., Staveley-O'Carroll, K.F., Viscidi, R.P., Levitsky, H.I., Hedrick, L., Cho, K.R., August, J.T., and Pardoll, D.M. (1995), Proc.
25 Natl. Acad. Sci. U.S.A. 92(25): 11671-11675.

Patentansprüche

1. Tumorassoziertes Antigen der Bezeichnung B345,
dadurch gekennzeichnet, dass es die in SEQ ID NO:4
5 definierte Aminosäuresequenz aufweist oder diese
als Teilsequenz enthält, oder ein Fragment davon.
2. Isoliertes DNA-Molekül, kodierend für das in
Anspruch 1 definierte tumorassozierte Antigen
oder für Fragmente davon.
- 10 3. DNA-Molekül nach Anspruch 2, dadurch
gekennzeichnet, dass es ein Polynukleotid mit der
in SEQ ID NO:3 dargestellten Sequenz ist oder
diese Sequenz enthält oder dass es ein
Polynukleotid ist oder dieses enthält, das mit
15 einem Polynukleotid der in SEQ ID NO:3
dargestellten Sequenz unter stringenten
Bedingungen hybridisiert, oder ein Fragment davon.
4. Rekombinantes DNA-Molekül, enthaltend ein
DNA-Molekül gemäß Anspruch 2 oder 3.
- 20 5. Pharmazeutische Zusammensetzung für die
Immuntherapie von Krebs, enthaltend als wirksame
Komponente das in Anspruch 1 definierte
tumorassozierte Antigen der Bezeichnung B345 oder
ein oder mehrere Fragmente davon.
- 25 6. Pharmazeutische Zusammensetzung für die
Immuntherapie von Krebs, enthaltend als wirksame
Komponente ein DNA-Molekül gemäß einem der
Ansprüche 2 bis 4.

7. Antikörper gegen das in in Anspruch 1 definierte Polypeptid.
8. Antikörper nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, dass er monoklonal ist.
- 5 9. Antikörper nach Anspruch 7 oder 8 für die Therapie und Diagnose von Krebserkrankungen, die mit der Expression von B345 assoziiert sind.

105020 095080

Zusammenfassung

5

Tumorassoziertes Antigen B345 und dafür kodierende
DNA-Moleküle.

10

F0920-0920-0920